

Bernardo Zinguer

ADN ancestral tachirense

(El Pasado Revelado)

Bernardo Zinguer

Academia de Historia del Táchira. Prof. Titular CIPPSV

Abstract.- This study on ancient DNA in Tachiran people with ancestors dating back to the 18th century revealed that the average European ancestry is 67%, followed by Amerindian ethnicity at 30%, and African ancestry in a low proportion of 2%, with other ethnicities accounting for the remaining 1%. Among European ancestries, Iberian ancestry is the most prominent, followed by Italian and Ashkenazi Jewish in lower numbers. The DNA-Y (patrilineal) shows 75% European and 25% Amerindian origins. Conversely, mitochondrial DNA (matrilineal) displays 90% Amerindian and only 10% European ancestry; no African genetic legacy was found in the haplogroups. In conclusion, there are no significant differences concerning the ethnic composition of the current DNA, indicating a continuity in the Tachirense ethnic composition.

Keywords: Táchira, Haplogroups, Ancestral DNA, Ethnicities, Amerindian

Resumen. - Este estudio sobre el ADN antiguo en tachirenses con ancestros que se remontan al siglo XVIII, reveló que la ascendencia europea promedio es del 67%, siendo el componente étnico amerindio el que le sigue en importancia con un 30% y el africano en una baja proporción del 2%, las etnias en menor presencia se corresponden con el 1% restante. Entre las europeas la ibérica es la más relevante seguida en bajos números por la italiana y la judía asquenazí. El ADN-Y (patrilineal) evidencia un 75% de origen europeo y un 25% amerindio. Por el contrario, el ADN mitocondrial (matrilineal) muestra un 90% amerindio y solo un 10% europeo, no se encontró legado genético africano en los haplogrupos. Finalmente, se concluye que no hay diferencias significativas con respecto a la composición étnica del ADN actual, indicando una continuidad en la composición étnica tachirense.

Palabras clave: Táchira, Haplogrupos, ADN Ancestral, Etnias, Amerindio.

Bernardo Zinguer

El ADN Ancestral tachirenses

En un esfuerzo por desentrañar el pasado genético del Estado Táchira, esta investigación se orientó en un estudio enfocado en el ADN ancestral. Este término se emplea para describir el análisis genético de individuos o grupos con el fin de rastrear y comprender las raíces genéticas de sus ancestros. El estudio del ADN ancestral implica examinar y mapear las líneas de ascendencia genética, identificando los linajes y haplogrupos que se han transmitido a lo largo del tiempo. Esto proporciona información sobre la diversidad étnica, los orígenes geográficos y los patrones migratorios de una población, permitiendo comprender mejor su historia genética y evolutiva.

En consecuencia, diez individuos, todos mayores de 50 años y cuyos linajes se remontan exclusivamente al Táchira hasta el siglo XVIII, se convirtieron en portadores de una información invaluable sobre las raíces genéticas de esta tierra. Entre estas muestras, destaca la de Juan Vicente Pérez Mora, quien a sus 114 años lleva la particular presea de ser el hombre más longevo del orbe, reconocido por el Guinness World Records, nacido en la población de El Cobre el 27 de mayo de 1909 y cuya vida ha transcurrido en el pueblo de montaña de San José de Bolívar.

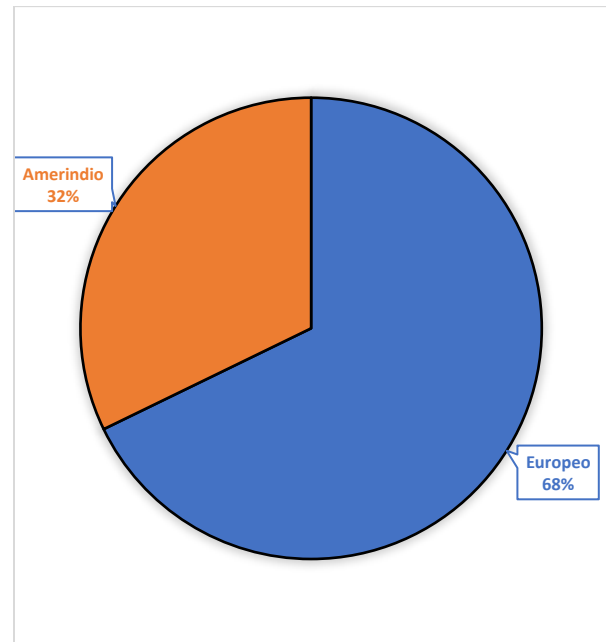
En el proceso de recolección de muestras de ADN de individuos con profundo raigambre tachirenses, ha sido uno de los principales colaboradores el doctor Jose Antonio Pulido Zambrano, oriundo de San José de Bolívar y miembro destacado de la Academia de Historia del estado Táchira. Además, contamos con el invaluable respaldo y asesoramiento legal del abogado Jackson Arenas, quien no solo explicó detalladamente el propósito del estudio a los involucrados en el lugar de los hechos, sino que también enfatizó la trascendencia académica de la investigación, alejada por completo de cualquier interés económico.

Procedimiento para la obtención de muestras del hombre supercentenario:

Para llevar a cabo el estudio de nuestro hombre supercentenario, se recolectaron dos muestras biológicas de saliva con el objetivo de obtener su ADN. Estas muestras fueron enviadas a dos laboratorios distintos: MyHeritage, especializado en el análisis del ADN autosómico, y 23andMe, que además analiza el ADN mitocondrial (ADNmt) y también el ADN del cromosoma Y (ADN-Y), permitiendo la identificación de los haplogrupos.

Con relación a la primera empresa, se pudo verificar que la estimación de su composición étnica es de un 67,8% de ascendencia europea y un 32,2% de ascendencia amerindia.

Representación gráfica de los resultados:

(Zinguer 2023)¹

¹ En algunos gráficos los datos se han redondeado a números enteros con el fin de simplificar la presentación de los resultados.

Bernardo Zinguer

Este resultado es afín a lo expuesto por el historiador Arturo Cardozo:²

“...en los primeros años de la conquista solo existió en los andes la población aborigen y un pequeño grupo de españoles varones [...] no resulta aventurado afirmar que las primeras uniones de los españoles fueron con mujeres aborígenes [...] el mestizaje se abrió paso en los albores mismos de la conquista y creció en forma tal, que tanto en la Cordillera como en la mayoría del país pasó a constituir la mayoría de la población” p.50

La anterior consideración, a pesar de que cronológicamente nuestro hombre supercentenario nació más de tres siglos después del primer establecimiento de colonos blancos europeos en la región.

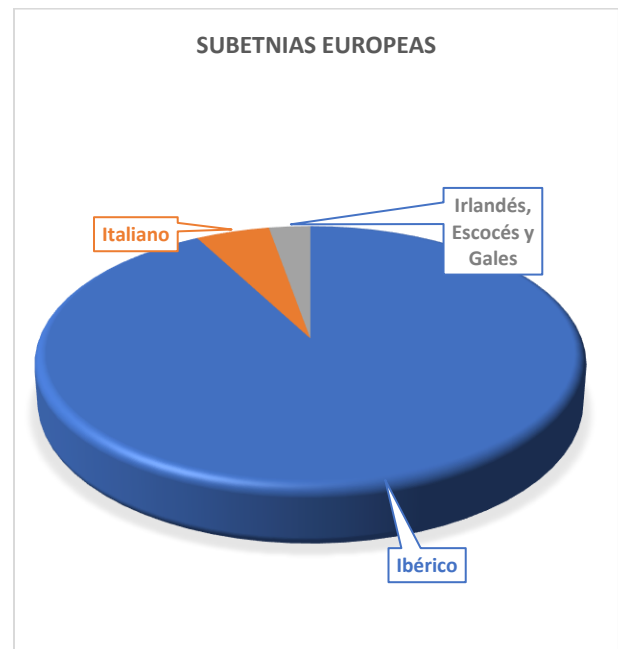
Detalles étnicos europeos

Disgregando la etnia europea en las subetnias³ que la conforman, la muestra revela que aproximadamente el 62,5% se atribuye a la subetnia ibérica, lo que refleja una conexión genética con la Península Ibérica que comprende principalmente España y Portugal. Además, se identificó un 3,4% de ascendencia asociada a la región italiana, asimismo, se observa un 1,9% de ascendencia asignada al Noroeste de Europa, que abarca poblaciones de ascendencia irlandesa, escocesa y galesa. Este porcentaje

representa una contribución genética más pequeña, pero notable, y que se corresponde con los

resultados de los haplogrupos del ADN-Y como se verá más adelante.

Representación gráfica del resultado



(Zinguer, 2023)

Con el objetivo de ampliar nuestro análisis, contamos con la colaboración de Mónica Vélez, quien desde Estados Unidos nos facilitó un kit de la empresa 23andMe. Lamentablemente, tras recibir la muestra, la empresa lo desactivó debido a que no prestan servicio para Venezuela.

A pesar de este contratiempo, obtuvimos datos adicionales sobre los haplogrupos de la siguiente

² Cardozo Arturo (1993) *Proceso de la historia de los andes venezolanos*. BAT

³ La clasificación étnica presentada aquí es una simplificación arbitraria para efectos del presente trabajo y no representa una división étnica estándar.

Bernardo Zinguer

manera: al cargar los datos crudos en la plataforma web CLADE FINDER, logramos identificar el ADN Y estimado, y a través de un colateral, obtuvimos información sobre el ADNmt. De este modo, sabemos que su linaje paterno proviene de ascendencia que es común encontrar al Noroeste de Europa y su linaje materno proviene de ascendencia amerindia.

Con respecto al haplogrupo paterno encontrado R-Z195, se puede mencionar que es una subdivisión del haplogrupo R1b, que es común en varias poblaciones europeas. En particular, se ha observado que este subclado R-Z195 se ha asociado con áreas específicas de las Islas Británicas, como Irlanda y partes de Escocia. También se encuentra en algunas regiones de Francia, especialmente en el noroeste. Además, se ha identificado en poblaciones dispersas en otras partes de Europa, pero en concentraciones menores en comparación con las áreas mencionadas.

Para profundizar en este estudio, recientemente, junto al doctor José Antonio Pulido, nos hemos sumado al proyecto de Mapas Genealógicos de Haplogrupos (MAGENHA), dirigido por el doctorando Samuel Martínez de la Universidad Autónoma de Madrid con el objetivo de ampliar en la medida de lo posible esta línea de investigación.

Ampliación de las muestras:

Con el objetivo de obtener una diversidad genética más representativa, se recopilaban un total de diez muestras que cumpliera los parámetros establecidos a través de las siguientes estrategias.

Estrategias seguidas:

1. Selección minuciosa de las muestras: Se examinaron exhaustivamente las muestras obtenidas para el estudio de estimación étnica del tachirense⁴, priorizando aquellas que cumplieran estrictamente con los parámetros establecidos y aportaran datos de haplogrupos, seleccionando (06) para el grupo referencial.
2. Toma de muestras adicionales in situ: Se llevaron a cabo (04) tomas de muestras a individuos cuyas características aportaban valor significativo al estudio centrado en el ADN ancestral del Táchira.
3. Organización y análisis de resultados: Los datos recopilados se estructuraron en una tabla donde se promediaron las estimaciones étnicas de los sujetos de estudio.
4. Identificación de haplogrupos: En la misma tabla se identificaron los haplogrupos disponibles.

⁴ Ver paper "Composición étnica del tachirense (El Mosaico de nuestra herencia)"

Bernardo Zinguer

Organización de los resultados de las muestras:

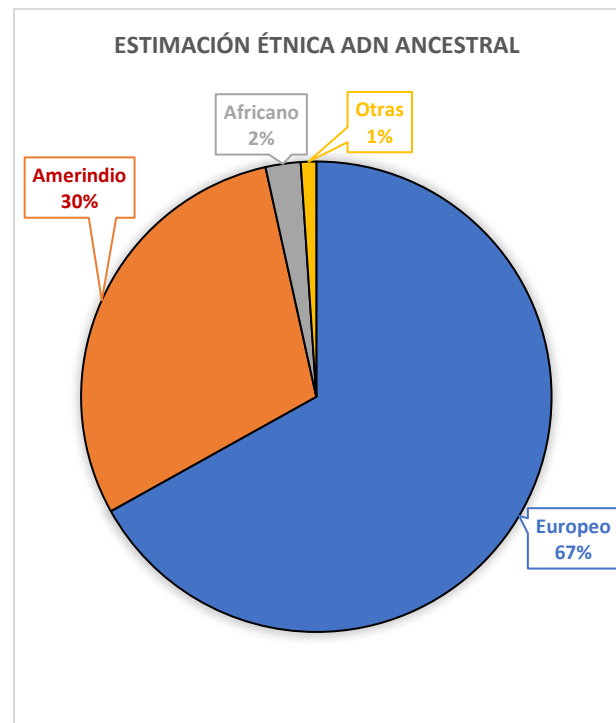
| Principales lugares ancestrales | Etnias | | | | ADNmt (línea Materna). | ADN-Y (línea paterna) |
|-------------------------------------|---------|-----------|----------|--------|------------------------|-----------------------|
| | Europea | Amerindia | Africana | Otras | | |
| El Cobre, La Grita, | 67,8% | 32,2 % | 0% | 0% | A2 | R- Z195 |
| La Grita, San Jose de Bolívar | 56,6 % | 43,4 % | 0% | 0% | A2 | Q-M3 |
| San Cristóbal, Táriba | 73,6 % | 22,1 % | 3,2 % | 1,1 % | A2 | R-S5520 |
| Michelena, San Pedro del Río, Zorca | 76,8 % | 19,8 % | 2,3 % | 1,1 % | D1f | ¿ |
| San José de Bolívar | 54,4 % | 41,5 % | 4,1 % | 0 % | A2 | Q-M3 |
| Capacho, Táriba | 74,8 % | 20,8 % | 2,9 % | 1,5 % | B2d | R-S5520 |
| Pregonero, La Grita | 73,9 % | 21,6 % | 0% | 4,5 % | A2 | ¿ |
| Ureña, San Antonio, | 79,1 % | 18,3 % | 2,3 % | 0,3 % | U5a1a1 | R-L2 |
| La Grita, San Cristóbal | 61,5 % | 34,1 % | 2,3 % | 2,1 | B2d | R- L151 |
| Lobatera | 50,6 | 42,4 | 7 | 0 | A2 | R-Z195 |
| | 66,91 % | 29,62 % | 2,41 % | 1,06 % | | |

(Zinguer, 2023)

Resultados de los promedios de las estimaciones étnicas

Al ser promediados, los resultados aportados por este grupo referencial revelaron el panorama genético ancestral, así, el 66,91% del ADN mostró ascendencia europea, mientras que un 29,62% procedía de ancestros amerindios. La influencia africana representaba un 2,41%, dejando un 1,06% para etnias de muy baja presencia o sin asignar a ninguna en específica.

Representación gráfica de los resultados:



(Zinguer, 2023)⁵

⁵se han redondeado a números enteros con el fin de simplificar la presentación de los resultados.

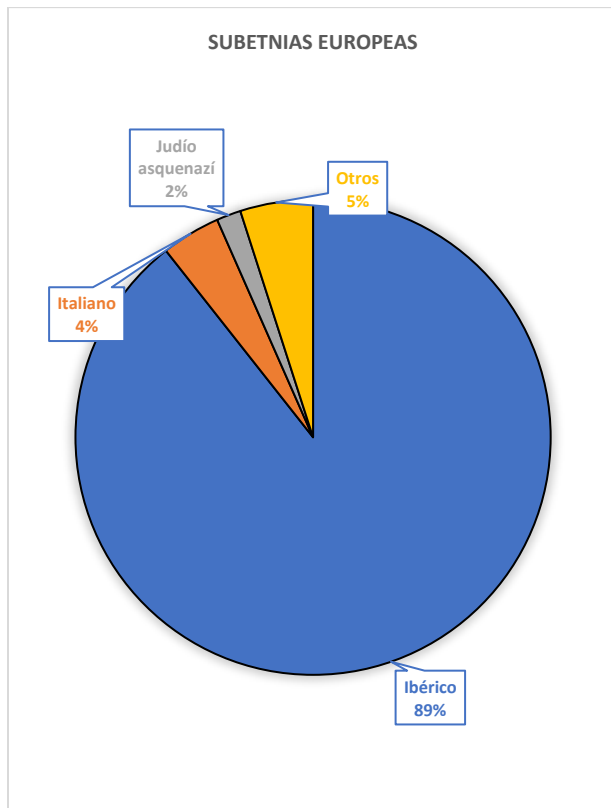
Bernardo Zinguer

Desglose del ADN Europeo

Considerando que el linaje europeo es preponderante en el resultado, es esencial detallar las subetnias que lo conforman. Se observa una significativa presencia del linaje ibérico, representando el 89,37% del total, seguido por el linaje italiano, con un 4,02%. Además, se identificó una contribución del 1,66% de ascendencia judía asquenazí y otras etnias minoritarias, que en conjunto suman un 4,95%.

Es relevante destacar la presencia notable de la etnia balcánica en uno de los sujetos de estudio del páramo andino, sin embargo, por su aparición en una sola de las muestras se ubicó con el aparte otros.

Representación gráfica de los resultados:



(Zinguer, 2023)

Resultados de haplogrupos hallados en el ADN ancestral

Haplogrupos del ADN-Y:

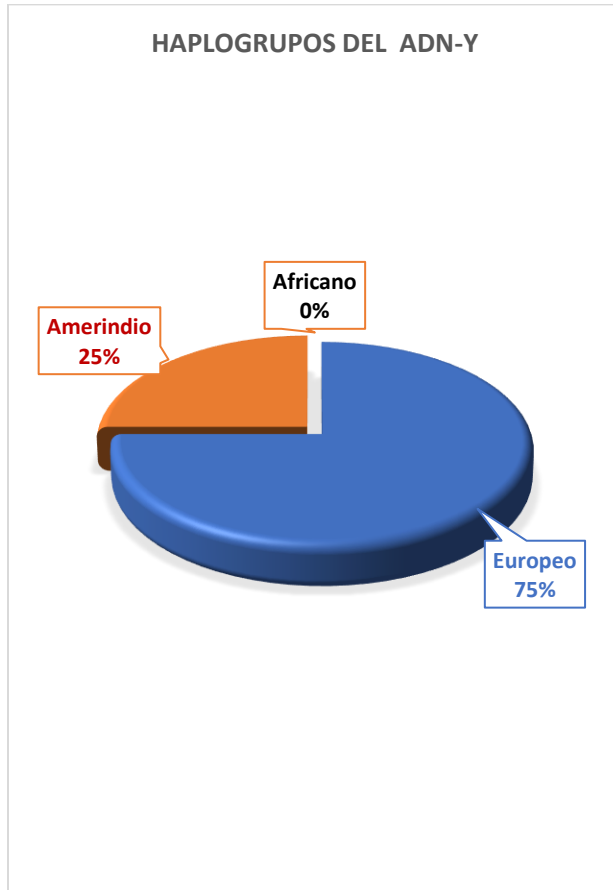
De las muestras de haplogrupos para el cromosoma ADN-Y, como se puede observar en la tabla anexa, el 75% corresponden a hombres de ascendencia europea, mientras que un 25% son de hombres de ascendencia amerindia y no se obtuvo resultados para hombres de linaje africano.

Identificación y distribución de los haplogrupos:

| Haplogrupos asociados a hombres europeos | Haplogrupos asociados a hombres amerindios | Haplogrupos asociados a hombres africanos | |
|--|--|---|------|
| R-Z195 = 2 R-L2 = 1 R- L151 = 1 R-S5520 = 2 | Q-M3 = 2 | 0 | |
| 6 | 2 | 0 | = 08 |

Bernardo Zinguer

Representación gráfica:



(Zinguer, 2023)

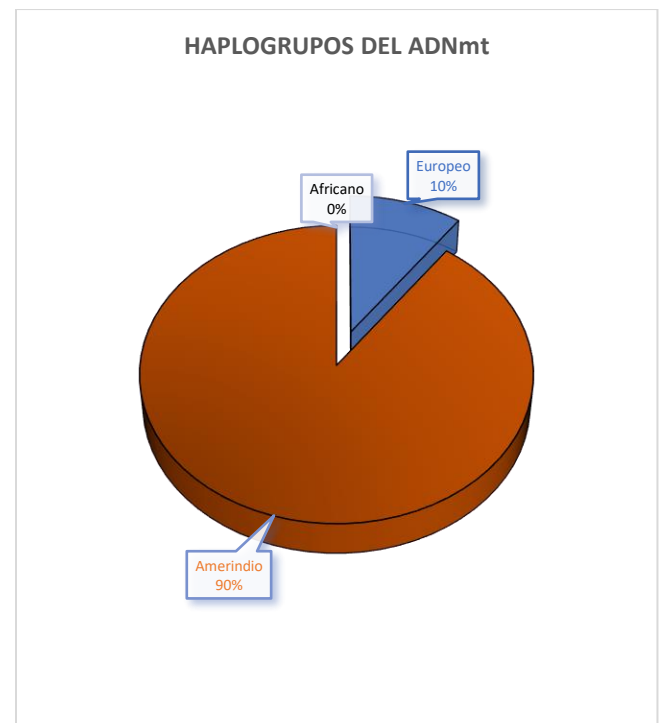
Haplogrupos del ADNmt:

En cuanto a los haplogrupos del ADNmt analizados se observa que un 90% de las muestras pertenecen a la etnia amerindia, mientras que un 10% tiene su origen en el legado genético europeo, no encontrándose en estas muestras haplogrupos asociados a matriarcas africanas.

Identificación y distribución de los haplogrupos:

| Haplogrupos asociados a mujeres amerindias | Haplogrupos asociados a mujeres europeas | Haplogrupos asociados a mujeres africanas | |
|--|--|---|------|
| A2 = 6 B2d = 2 D1f = 1 | U5a1a1 = 1 | | |
| 9 | 1 | 0 | = 10 |

Representación gráfica:

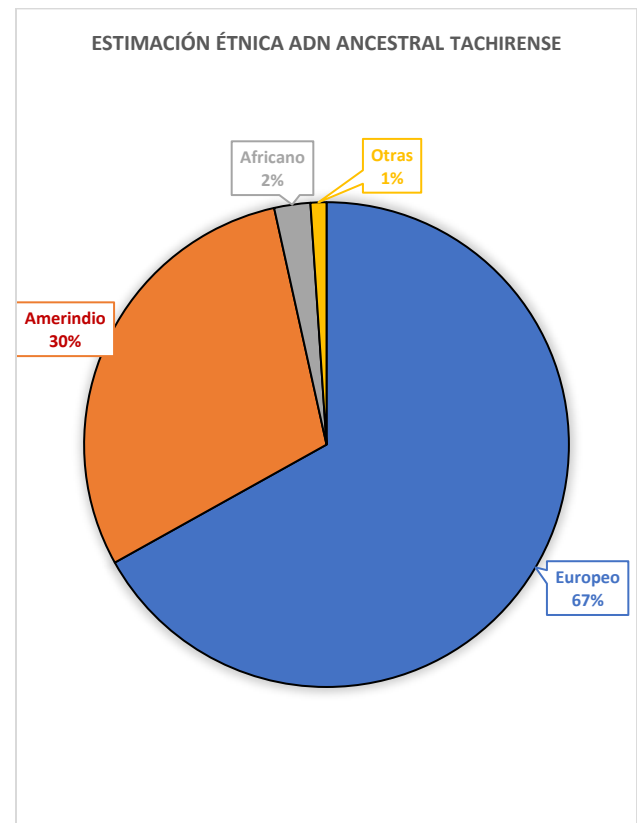
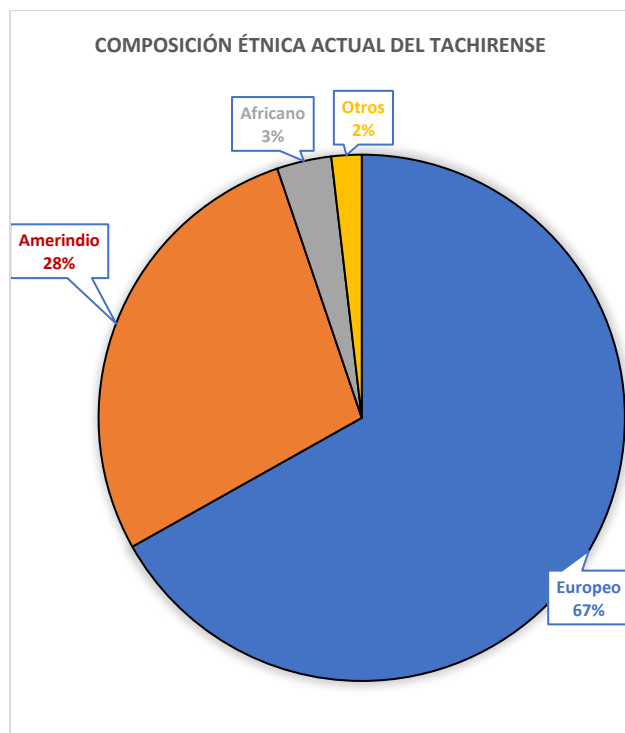


(Zinguer, 2023)

Bernardo Zinguer

Comparación de la composición étnica del ADN ancestral tachireño con el actual⁶

Al cotejar las estimaciones étnicas del ADN ancestral y contemporáneo en el estado Táchira, no se observan discrepancias de importancia estadística entre los hallazgos de este estudio y los datos previos sobre el ADN actual. Estos resultados sugieren que la configuración étnica de la población tachireña ha conservado una constancia considerable a lo largo del transcurso del tiempo, indicando una persistencia en la composición étnica de esta área geográfica.



Conclusiones:

El estudio de la estimación étnica del ADN antiguo en nuestra región, utilizando muestras de tachirenses con linajes ancestrales que se remontan hasta el siglo XVIII, ha sido un viaje fascinante para desentrañar los misterios de nuestra herencia genética. Al examinar específicamente el ADN del tachireño Juan Vicente Pérez Mora, el individuo más longevo registrado en el mundo se constató que aproximadamente el 68% de su ADN proviene de ancestros europeos, mayormente de ascendencia ibérica, mientras que el restante 32% muestra una ascendencia amerindia. Por otra parte, sus haplogrupos, tanto patrilineal como matrilinealmente, rastrean sus orígenes a

⁶ La estimación del ADN actual en el artículo "Composición étnica del tachireño (El Mosaico de nuestra herencia)"

Bernardo Zinguer

linajes europeos y amerindios respectivamente en consonancia con lo glosado en la historia regional.

Al analizar el promedio de las diez muestras recolectadas, se reveló que el 67% del ADN corresponde a linajes europeos, el 30% a linajes amerindios, un 2% a linajes africanos y un restante 1% a etnias minoritarias o no asignadas. En el desglose detallado del linaje europeo, se destaca que el 89% se identifica como ibérico, un 4% como italiano, un 2% como judío asquenazí y un 5% correspondiente a otras etnias con una presencia menor.

Al explorar los haplogrupos del ADN-Y en el conjunto de muestras, se evidenció que el 75% de estos rastrean un ancestro común europeo, mientras que el 25% remonta a linajes amerindios. Esta proporción sugiere un reemplazo significativo del acervo genético local por el europeo.

Por otro lado, al examinar el ADNmt, se encontró que el 90% corresponde a linajes amerindios, indicando que el legado genético matrilineal de los primeros habitantes del actual estado Táchira se ha mantenido, mientras que solo un 10% corresponde al ADN europeo. Es importante resaltar que, a diferencia de los resultados presentados en el artículo sobre la "Composición étnica del tachirenses (El Mosaico de nuestra herencia)", las muestras de ADN ancestral no revelan presencia del legado genético africano.

Al comparar los resultados obtenidos en este estudio con los de la investigación previa sobre el ADN actual, no se evidencian diferencias estadísticamente significativas. Esto sugiere que la composición étnica del tachirenses ha mantenido una estabilidad relativa a lo largo del tiempo, mostrando una continuidad en la composición étnica de la región.